



- LÍNEA  
**INNOVACIÓN  
EN EL AULA**

Santiago

2025-1

#### CARRERA

Tecnología Médica

#### ASIGNATURA

Bioinformática en el Diagnóstico  
Molecular

#### BENEFICIARIOS

16 estudiantes

#### DOCENTES

Pablo Báez Benavides [✉](#)

Alejandra Zazueta Hernández [✉](#)

Rodrigo Andaur Medina [✉](#)

FACULTAD DE MEDICINA-CLÍNICA ALEMANA

## Integración de la Secuenciación y el Análisis Ómico para Fortalecer el Aprendizaje en Bioinformática y Desarrollar Tesis Innovadoras en Tecnología Médica

### RESUMEN

La propuesta buscó fortalecer la formación integral de los estudiantes de Tecnología Médica en la asignatura Bioinformática en el Diagnóstico Molecular, mediante actividades prácticas que incorporaran la generación y análisis de datos genómicos utilizando el secuenciador Oxford Nanopore MinION. Esta iniciativa respondió a la desconexión existente entre los procesos experimentales y el análisis bioinformático, que limitaba la comprensión integral del diagnóstico molecular.

La genómica se ha consolidado como una herramienta esencial en investigación biomédica y práctica clínica, al permitir diagnósticos más precisos, tratamientos personalizados y una comprensión profunda de la biología de las enfermedades. En el ámbito educativo, su integración en la formación de profesionales de la salud resulta clave para enfrentar los desafíos tecnológicos y científicos actuales.

Durante el segundo semestre de 2025 se desarrollaron actividades teóricas y prácticas en la sede Santiago, beneficiando a 16 estudiantes de cuarto año. El proyecto fue financiado por el Centro de Innovación Docente y complementado por la carrera de Tecnología Médica, que aportó recursos adicionales para insumos y reactivos.

La evaluación de la innovación se realizó mediante dos pruebas comparativas: 1) sobre conocimientos teóricos y análisis metagenómico con datos de secuenciación de segunda generación; 2) sobre las prácticas con tecnología de tercera generación y análisis de datos generados por los estudiantes, realizada tras la intervención. Además, se aplicó una encuesta para medir percepción y confianza técnica.

Los resultados evidenciaron mejoras significativas en comprensión, manejo de herramientas bioinformáticas y confianza técnica, confirmando que la incorporación del MinION cerró la brecha entre teoría y práctica, promoviendo un aprendizaje activo y contextualizado.

### **INQUIETUD ATENDIDA CON LA INNOVACIÓN IMPLEMENTADA**

La generación de información genética ha aumentado significativamente en los últimos años gracias a las tecnologías de secuenciación de tercera generación (De Coster et al., 2021). No obstante, los profesionales de la salud enfrentan dificultades para mantenerse actualizados frente al rápido avance de las herramientas computacionales y métodos de análisis, debido a barreras como el alto costo, la complejidad técnica y la limitada infraestructura disponible (White et al., 2020). En este contexto, el desarrollo de instrumentos portátiles y de menor costo ha facilitado la incorporación de estas tecnologías en entornos educativos, abriendo nuevas oportunidades para la formación en genómica (Petersen et al., 2019).

En la asignatura Bioinformática en el Diagnóstico Molecular de la carrera de Tecnología Médica se identificó una brecha entre la generación experimental de datos genómicos y su análisis bioinformático, lo que limitaba la comprensión integral del flujo de trabajo molecular y la preparación de los estudiantes para los desafíos actuales de la biología molecular y la medicina personalizada. Esta desconexión se reflejaba, además, en una menor confianza en tecnologías de secuenciación de tercera generación y en un uso limitado de datos propios en investigaciones formativas y tesis de pregrado.

Experiencias previas reportadas en la literatura han demostrado que la integración de actividades experimentales con flujos de trabajo bioinformáticos, incluyendo el uso de tecnologías como Oxford Nanopore, favorece el desarrollo de competencias técnicas, habilidades computacionales críticas y una mayor confianza en el trabajo práctico, promoviendo un aprendizaje más profundo y contextualizado (Salazar et al., 2020; Sellers et al., 2024).

Si bien el laboratorio de Biología Molecular de la sede Santiago contaba con equipamiento para el procesamiento de muestras biológicas, la ausencia de un secuenciador propio limitaba la posibilidad de abordar el flujo de trabajo completo. La adquisición del secuenciador Oxford Nanopore MinION permitió implementar actividades prácticas integradas, en las que los estudiantes participaron en todas las etapas del proceso, desde la preparación de muestras hasta el análisis de datos genómicos, contribuyendo al cierre de brechas formativas y al fortalecimiento de investigaciones formativas basadas en datos generados localmente.

## OBJETIVOS PROPUESTOS PARA LA EJECUCIÓN DE LA INNOVACIÓN

### Objetivo general

Potenciar el aprendizaje activo y el desarrollo de competencias en biología molecular y bioinformática de los estudiantes de la asignatura Bioinformática en el Diagnóstico Molecular de la carrera de Tecnología Médica, mediante actividades prácticas que integren la generación y análisis de datos genómicos con el secuenciador Oxford Nanopore MinION.

### Objetivos específicos

1. Integrar la generación de datos genómicos en el laboratorio de biología molecular con su análisis bioinformático mediante actividades prácticas alineadas con los contenidos del curso.
2. Potenciar las habilidades prácticas y la confianza técnica de los estudiantes a través de su participación en todas las etapas del flujo de trabajo molecular, desde la preparación de muestras biológicas hasta la interpretación de resultados.
3. Evaluar el impacto de la implementación del secuenciador en el aprendizaje y competencias adquiridas por los estudiantes.

## METODOLOGÍA

La innovación se implementó con 16 estudiantes de cuarto año en modalidad presencial; la intervención específica consistió en 12 horas prácticas integradas al curso, abordando de manera directa los resultados de aprendizaje de las Unidades 3 y 4 de la asignatura: "Aplica métodos de evaluación de calidad de secuenciación y métodos de alineamiento de las lecturas a un genoma de referencia de acuerdo con casos clínicos oncológicos y/o microbiológicos" y "Analiza la composición genética microbiana (ARNr 16S) mediante el pipeline de DADA2 en un caso de investigación científica."

Las actividades se organizaron en dos momentos complementarios: un módulo tradicional centrado en el análisis de datos de secuenciación de segunda generación y un módulo integral con secuenciación de tercera generación, que permitió a los estudiantes participar en todas las etapas del flujo de trabajo genómico, desde la preparación de muestras hasta el análisis bioinformático. Las sesiones contaron con acompañamiento docente especializado y recursos de apoyo para favorecer la correcta ejecución práctica y la comprensión conceptual. El análisis de datos se realizó mediante las plataformas EPI2ME y R, promoviendo prácticas reproducibles.

La evaluación integró rúbricas analíticas de desempeño práctico y bioinformático, pruebas comparativas pre y post intervención y una encuesta de percepción; los datos fueron analizados mediante estadística descriptiva y pruebas inferenciales (t de Student).

El proyecto se desarrolló bajo resguardo ético, con consentimiento informado de los estudiantes y respaldo institucional en el marco del Programa de Innovación y Fortalecimiento de la Docencia.

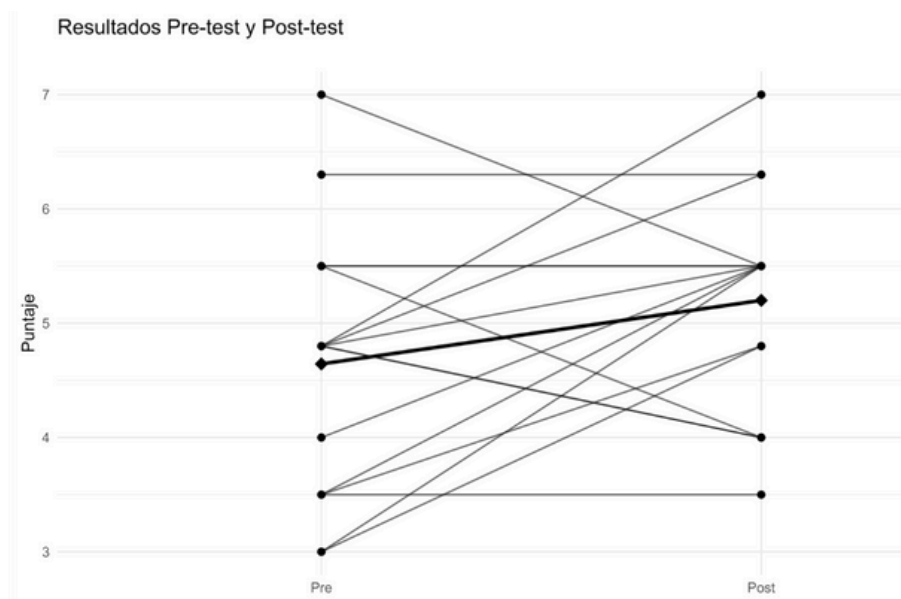
## RESULTADOS

### • **Desempeño práctico, bioinformático e impacto académico**

El desempeño de los estudiantes en el laboratorio de secuenciación, evaluado mediante una rúbrica analítica del flujo molecular, evidenció un nivel de logro alto y consistente, con un puntaje promedio de  $6,64 \pm 0,47$  (escala 1–7). Los estudiantes ejecutaron adecuadamente las etapas críticas del protocolo, integrando procedimientos secuenciales y cumpliendo normas de bioseguridad y trabajo colaborativo.

De manera concordante, el análisis bioinformático realizado en R, a partir de datos procesados inicialmente en la plataforma EPI2ME, alcanzó un puntaje promedio de  $6,70 \pm 0,47$ , evidenciando dominio en la estructuración de datos, visualización y análisis de composición taxonómica y diversidad microbiana, así como comprensión del código y uso crítico de herramientas computacionales.

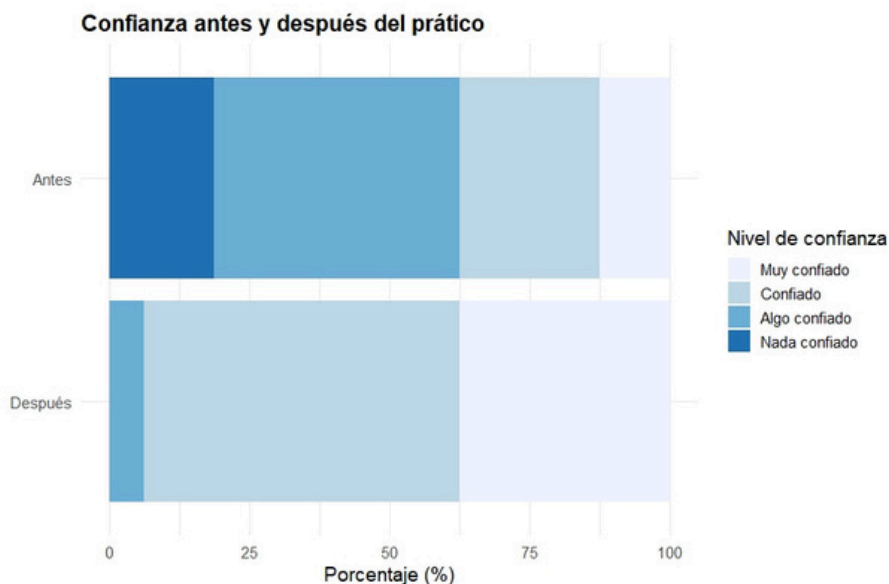
En términos de rendimiento académico, el pre-test y post-test mostraron una mejora global del desempeño, con un aumento del puntaje promedio desde  $4,64 \pm 1,17$  a  $5,20 \pm 0,96$  tras la intervención (Figura 1), lo que evidencia un fortalecimiento en la comprensión del flujo de trabajo genómico completo.



**Figura 1.** Puntajes de pre-test y post-test de los estudiantes de la asignatura de Bioinformática en el Diagnóstico Molecular. Las líneas representan la evolución individual y la línea destacada el promedio grupal.

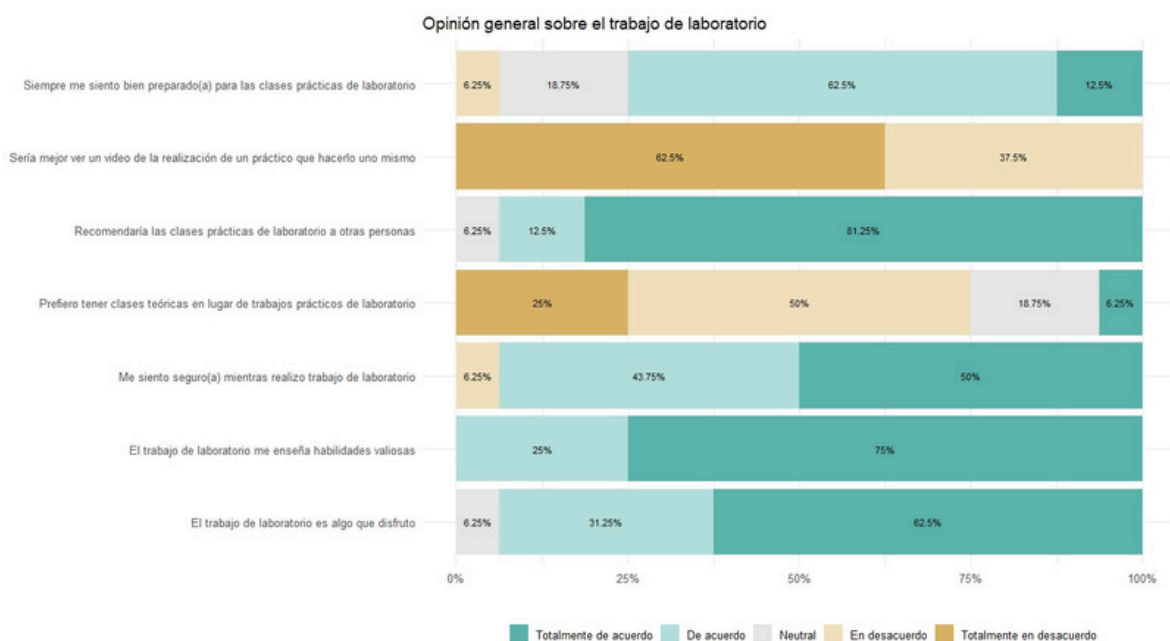
• **Confianza técnica y percepción del aprendizaje**

La confianza técnica auto-percibida aumentó significativamente tras la experiencia práctica (Figura 2). Antes del laboratorio, el 62,6 % de los estudiantes se ubicaba en las categorías “Algo confiado” o “Nada confiado”, mientras que posteriormente el 93,8 % se concentró en “Confiado” o “Muy confiado”, sin respuestas en la categoría de menor confianza. La percepción del aprendizaje fue ampliamente positiva: el 81,3 % de los estudiantes declaró haber disfrutado la mayor parte o la totalidad de las actividades prácticas y el 100 % estuvo “De acuerdo” o “Totalmente de acuerdo” en que la experiencia facilitó la comprensión y valoración de las técnicas experimentales y del análisis de datos.



**Figura 2.** Nivel de confianza auto-percibida antes y después de las prácticas con MinION (n=16)

En la opinión general sobre el trabajo de laboratorio se observó una clara preferencia por el aprendizaje práctico (Figura 3). El 100 % de los estudiantes manifestó desacuerdo con la afirmación “Sería mejor ver un video de la realización de un práctico que hacerlo uno mismo” (62,5 % “Totalmente en desacuerdo” y 37,5 % “En desacuerdo”). De manera concordante, el 75,0 % expresó desacuerdo frente a la preferencia por clases exclusivamente teóricas (50,0 % “En desacuerdo” y 25,0 % “Totalmente en desacuerdo”), reafirmando la experimentación directa como estrategia formativa central.



**Figura 3.** Opinión general de los estudiantes sobre el trabajo de laboratorio tras la implementación de actividades prácticas con el secuenciados Oxford Nanopore MinION.

### RECOMENDACIONES METODOLÓGICAS PARA FUTURAS IMPLEMENTACIONES

A partir de las dificultades detectadas, los resultados obtenidos y la retroalimentación estudiantil, se proponen recomendaciones para futuras implementaciones. Se sugiere fortalecer el aprendizaje invertido mediante recursos asincrónicos previos al laboratorio para optimizar el tiempo presencial, así como reorganizar las sesiones prácticas en grupos más pequeños o estaciones rotativas que favorezcan una participación activa y personalizada. Asimismo, se recomienda profundizar el análisis bioinformático en R, promoviendo prácticas reproducibles y el uso crítico de herramientas digitales e inteligencia artificial. Finalmente, se plantea articular la experiencia práctica en instancias progresivas dentro de la asignatura o la malla curricular, permitiendo proyectar los datos generados hacia investigaciones formativas o tesis de pregrado y fortalecer la transferencia de competencias.

## CONCLUSIONES

La implementación de esta innovación docente permitió integrar de manera efectiva el trabajo experimental y el análisis bioinformático en la formación de pregrado, fortaleciendo la comprensión del flujo completo de secuenciación y promoviendo el desarrollo de competencias técnicas, analíticas y reflexivas en el estudiantado. Los resultados evidencian mejoras en el desempeño académico, en la confianza técnica y en la valoración del aprendizaje práctico, confirmando la pertinencia de incorporar metodologías activas y tecnologías emergentes en la docencia. Asimismo, esta experiencia implicó un cambio en el rol docente, transitando desde una enseñanza principalmente demostrativa hacia un acompañamiento activo del aprendizaje situado, lo que favoreció una articulación más coherente entre teoría y práctica y sentó bases para la proyección de esta innovación en futuras implementaciones y contextos formativos afines.

## REFLEXIÓN DOCENTE

La experiencia confirmó la pertinencia pedagógica de integrar experimentación real y análisis computacional; además, implicó un cambio en el rol docente, transitando desde una enseñanza demostrativa hacia un acompañamiento activo del aprendizaje situado. Para futuras implementaciones se priorizará fortalecer el aprendizaje invertido con recursos asincrónicos previos al laboratorio, reorganizar sesiones en grupos reducidos o estaciones rotativas, profundizar prácticas reproducibles en R y articular la experiencia en instancias progresivas que permitan proyectar los datos hacia investigaciones formativas y tesis de pregrado.

## REFERENCIAS

- De Coster, W., Weissensteiner, M.H. & Sedlazeck, F.J. Towards population-scale long-read sequencing. *Nat Rev Genet* 22, 572–587 (2021). <https://doi.org/10.1038/s41576-021-00367-3>
- Petersen, L. M., Martin, I. W., Moschetti, W. E., Kershaw, C. M., & Tsongalis, G. J. (2019). Third-Generation Sequencing in the Clinical Laboratory: Exploring the Advantages and Challenges of Nanopore Sequencing. *Journal of clinical microbiology*, 58(1), e01315-19. <https://doi.org/10.1128/JCM.01315-19>
- Salazar, A. N., Nobrega, F. L., Anyansi, C., Aparicio-Maldonado, C., Costa, A. R., Haagsma, A. C., ... & Abeel, T. (2020). An educational guide for nanopore sequencing in the classroom. *PLoS computational biology*, 16(1), e1007314.

Sellers, G. S., Freiheit, M., Winter, M. R., Joyce, D., Cullen, D., Lunt, D. H., & Hubbard, K. (2024). Who Grows There? A Course-based Undergraduate Research Experience to explore the human microbiome through 16S DNA metabarcoding. bioRxiv, 2024-07.

White, S., Jacobs, C., & Phillips, J. (2020). Mainstreaming genetics and genomics: a systematic review of the barriers and facilitators for nurses and physicians in secondary and tertiary care. *Genetics in medicine : official journal of the American College of Medical Genetics*, 22(7), 1149–1155. <https://doi.org/10.1038/s41436-020-0785-6>